



180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt  
SEQUENCE LISTING

<110> Duke University  
York, John D

<120> NOVEL TARGETS FOR LITHIUM THERAPY AND TOXICITY TREATMENT

<130> 180/158/2

<150> US 60/401480

<151> 2002-08-06

<160> 24

<170> PatentIn version 3.3

<210> 1

<211> 2113

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> mRNA

<222> (1)..(2113)

<400> 1

ggaattcggc acgagaagct cggctactgga cacaacgagg gacctgggtc tacgataacg  
60

cgctttttgct cctcctgaag tgtcttttggc ccaacgttgt tccagagtgt accatggctt  
120

ccagtaacac tgtgttgatg cggttggtag cctccgcata ttctattgct caaaaggcag  
180

gaatgatagt cagacgtggt attgctgaag gagacctggg tattgtggag aagacctgtg  
240

caacagacct gcagaccaa gctgaccgat tggcacagat gagcatatgt tcttcattgg  
300

cccggaaatt ccccaaactc acaattatag gggaagagga tctgccttct gaggaagtgg  
360

atcaagagct gattgaagac agtcagtggg aagaaatact gaagcaacca tgcccatcgc  
420

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

agtacagtgc tattaaagaa gaagatctcg tggctctgggt tgatcctctg gatggaacca  
480

aggaatatac cgaagggtctt cttgacaatg taacagttct tattggaatt gcttatgaag  
540

gaaaagccat agcaggagtt attaaccagc catattacaa ctatgaggca ggaccagatg  
600

ctgtgttggg gaggacaatc tggggagttt taggtttagg cgcctttggg tttcagctga  
660

aagaagtccc tgctgggaaa cacattatca caactactcg atcccatagc aacaagttgg  
720

ttactgactg tgttgctgct atgaaccccg atgctgtgct gcgagtagga ggagcaggaa  
780

ataagattat tcagctgatt gaaggcaaag cctctgctta tgtatttgca agtcctgggt  
840

gtaagaagtg ggatacttgt gctccagaag ttattttaca tgctgtggga ggcaagttaa  
900

ccgatatcca tgggaatgtt cttcagtacc acaaggatgt gaagcatatg aactctgcag  
960

gagtcctggc cacactgagg aattatgact actatgcaag ccgagttcca gaatctatta  
1020

aaaatgcact tgttccttaa aggaaagttt catttggccg ggcgcggtgg ctcattgctg  
1080

taatcccagc actttgggag gccgaggcag gtggatcact tgagctcagg agtttgagac  
1140

cagcctgggc aatatcgtga gaccccatct ctacaaaaat acaaattaac tgggcatcct  
1200

gtcatgcgcc tgtcatccca gctacttgag aggctgaagc agaagaatct cttgagcccg  
1260

gaaggcggag gttgcagtga gctgagatcg tgccactgca ctccagcctg agtgacagga  
1320

gttaagccct gtctcagaaa aaaaacataa acccaaaaag tacttaaagt ttcatttact  
1380

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

tactaggaaa agacttggtt ctcaaataat acattttaag attaattggg tagaattaga  
1440

gttccacctt tatcattggt gacagtgatt tatatttagt tatatattta gaataaaaat  
1500

taactaaata atttaacttg attaatacca ttactcaacc tgacaattga gttggagact  
1560

tataaactca ttatgggttat catgtgtttt cctggtgaat gtgaagaagt gagaaaacat  
1620

ttgccaatga cagttaggcg tgcacactga ccattcactg ataaaccaga ttctgcctga  
1680

atctgaaggg attgcttgta gcatagggtt tagtggcgtg atcttggggtc actgcggccc  
1740

gcttccgggg ttcattgcttc tcctgcctag ctccgggtag ctgggactgc agcacggccc  
1800

acgctggtaa ttttttgtat gatggtgaga agttttcacc gtgttgccag gatggcttat  
1860

cctgacatcg tgatctgtat gcctcggatc ccaaagtga tgggatgaca gctgtgagcc  
1920

accgcacttg gcttaaacca gatttcctta gggcacattt ttttgaatc tcaactctgtt  
1980

tttcacagta attttaaaaa cgttttatcc aattagaata tatatgatgt tattatatat  
2040

gcttatgaaa cagatttatg agaaaagttt tttttaaata aattatttaa tccttaaaaa  
2100

aaaaaaaaaa aaa  
2113

<210> 2  
<211> 308  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<220>  
<221> PEPTIDE

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<222> (1)..(308)

<400> 2

Met Ala Ser Ser Asn Thr Val Leu Met Arg Leu Val Ala Ser Ala Tyr  
1 5 10 15

Ser Ile Ala Gln Lys Ala Gly Met Ile Val Arg Arg Val Ile Ala Glu  
20 25 30

Gly Asp Leu Gly Ile Val Glu Lys Thr Cys Ala Thr Asp Leu Gln Thr  
35 40 45

Lys Ala Asp Arg Leu Ala Gln Met Ser Ile Cys Ser Ser Leu Ala Arg  
50 55 60

Lys Phe Pro Lys Leu Thr Ile Ile Gly Glu Glu Asp Leu Pro Ser Glu  
65 70 75 80

Glu Val Asp Gln Glu Leu Ile Glu Asp Ser Gln Trp Glu Glu Ile Leu  
85 90 95

Lys Gln Pro Cys Pro Ser Gln Tyr Ser Ala Ile Lys Glu Glu Asp Leu  
100 105 110

Val Val Trp Val Asp Pro Leu Asp Gly Thr Lys Glu Tyr Thr Glu Gly  
115 120 125

Leu Leu Asp Asn Val Thr Val Leu Ile Gly Ile Ala Tyr Glu Gly Lys  
130 135 140

Ala Ile Ala Gly Val Ile Asn Gln Pro Tyr Tyr Asn Tyr Glu Ala Gly  
145 150 155 160

Pro Asp Ala Val Leu Gly Arg Thr Ile Trp Gly Val Leu Gly Leu Gly  
165 170 175

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

Ala Phe Gly Phe Gln Leu Lys Glu Val Pro Ala Gly Lys His Ile Ile  
180 185 190

Thr Thr Thr Arg Ser His Ser Asn Lys Leu Val Thr Asp Cys Val Ala  
195 200 205

Ala Met Asn Pro Asp Ala Val Leu Arg Val Gly Gly Ala Gly Asn Lys  
210 215 220

Ile Ile Gln Leu Ile Glu Gly Lys Ala Ser Ala Tyr Val Phe Ala Ser  
225 230 235 240

Pro Gly Cys Lys Lys Trp Asp Thr Cys Ala Pro Glu Val Ile Leu His  
245 250 255

Ala Val Gly Gly Lys Leu Thr Asp Ile His Gly Asn Val Leu Gln Tyr  
260 265 270

His Lys Asp Val Lys His Met Asn Ser Ala Gly Val Leu Ala Thr Leu  
275 280 285

Arg Asn Tyr Asp Tyr Tyr Ala Ser Arg Val Pro Glu Ser Ile Lys Asn  
290 295 300

Ala Leu Val Pro  
305

<210> 3  
<211> 364  
<212> PRT  
<213> Artificial

<220>  
<223> Li-sensitive sequence uniting motif.

<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
<222> (2)..(41)

<223> X is any amino acid, and wherein between 0 and 39 of the residues  
can be missing.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (44)..(143)

<223> X is any amino acid, and wherein between 0 and 99 of the residues  
can be missing.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (146)..(146)

<223> X is isoleucine or an amino acid that can be conservatively substituted in place thereof.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (148)..(148)

<223> X is glycine or an amino acid that can be conservatively substituted in place thereof.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (149)..(149)

<223> X is threonine or an amino acid that can be conservatively substituted in place thereof.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (150)..(349)

<223> X is any amino acid, and wherein between 0 and 199 of the residues can be missing.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (350)..(350)

<223> X is tryptophan or an amino acid that can be conservatively substituted in place thereof.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (351)..(351)

<223> X is aspartic acid or an amino acid that can be conservatively substituted in place thereof.

<220>

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<221> MISC FEATURE

<222> (352)..(362)

<223> X is any amino acid.

<400> 3

Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Glu Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp  
130 135 140

Pro Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
165 170 175

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
180 185 190

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
195 200 205

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
210 215 220

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
225 230 235 240

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
245 250 255

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
260 265 270

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
275 280 285

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
290 295 300

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
305 310 315 320

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
325 330 335

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
340 345 350

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Gly  
355 360



180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<210> 4  
 <211> 290  
 <212> PRT  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> Li-sensitive sequence uniting motif for Impase1.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (1)..(46)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (48)..(69)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (72)..(89)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (96)..(218)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (221)..(231)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (234)..(290)  
 <223> X is any amino acid.

<400> 4

Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
1				5					10						15	

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

20

25

30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Xaa  
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Glu Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Pro Ile Asp Gly Thr Xaa  
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
165 170 175

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
180 185 190

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
195 200 205

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Asp Xaa Xaa Xaa Xaa

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

210 215 220

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
225 230 235 240

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
245 250 255

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
260 265 270

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
275 280 285

Xaa Xaa  
290

<210> 5  
<211> 399  
<212> PRT  
<213> Artificial

<220>  
<223> Li-sensitive sequence uniting motif for 1ptase.

<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
<222> (1)..(53)  
<223> X is any amino acid.

<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
<222> (55)..(78)  
<223> X is any amino acid.

<220>  
<221> MISC\_FEATURE  
<222> (81)..(152)  
<223> X is any amino acid.

<220>

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<221> MISC\_FEATURE  
 <222> (159)..(314)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (317)..(327)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (330)..(399)  
 <223> X is any amino acid.

<400> 5

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Glu Glu  
 65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 115 120 125

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
130	135	140	
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Pro Ile Asp Ser Thr Xaa Xaa			
145	150	155	160
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
165	170		175
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
180	185		190
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
195	200		205
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
210	215		220
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
225	230	235	240
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
245	250		255
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
260	265		270
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
275	280		285
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa			
290	295		300
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Asp Xaa Xaa Xaa Xaa			
305	310	315	320

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 325 330 335

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 340 345 350

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 355 360 365

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 370 375 380

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 385 390 395

<210> 6  
 <211> 338  
 <212> PRT  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> Li-sensitive sequence uniting motif for Fbpase1.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (1)..(74)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (76)..(97)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (100)..(118)  
 <223> X is any amino acid.

<220>  
 <221> MISC\_FEATURE  
 <222> (125)..(279)  
 <223> X is any amino acid.

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (282)..(292)

<223> X is any amino acid.

<220>

<221> MISC\_FEATURE

<222> (295)..(338)

<223> X is any amino acid.

<400> 6

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
85 90 95

Xaa Glu Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Asp Pro Leu Asp Gly Ser Xaa Xaa Xaa Xaa  
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
130 135 140

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
165 170 175

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
180 185 190

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
195 200 205

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
210 215 220

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
225 230 235 240

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
245 250 255

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
260 265 270

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
275 280 285

Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
290 295 300

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
305 310 315 320

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
325 330 335



180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

Xaa Xaa

<210> 7  
<211> 53  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 7  
ggatccgagc tcgaattcca ccatggagat ccccgaggagc ctgtgcaaga aag  
53

<210> 8  
<211> 55  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 8  
ggatccgtcg acgagctcgc ggccgcggtg gagtgactgg gttaacagcc taagc  
55

<210> 9  
<211> 49  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer

<400> 9  
agatctttca attgaagctt gtcgaccagc atgtcgggga tcaagaagc  
49

<210> 10  
<211> 48  
<212> DNA  
<213> artificial

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<220>

<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 10

agatctaagc ttccgcgggc gacctggagc caaaggctta gttcttct  
48

<210> 11

<211> 31

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> 5' DNA PCR primer

<400> 11

ggatccatgc ctgctcctca cggtggtatt c  
31

<210> 12

<211> 43

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 12

ccgcggtcga cgcggccgcg gtcgatcatg aattttgccc tac  
43

<210> 13

<211> 31

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 13

ggatccaagc aactgtaca ccaatggcta c  
31

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<210> 14  
<211> 42  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 14  
gcggccgccc cggtcgaccg gatcagaatt tcacggtaat cc  
42

<210> 15  
<211> 31  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer.

<400> 15  
atcgatcata tggagccctt gcgtaaacca c  
31

<210> 16  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer

<400> 16  
tcatatttga cagcggaacg tg  
22

<210> 17  
<211> 981  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> Fragment of BPntase genomic DNA located between exons 5 and 6  
with 5' and 3' engineered restriction sites.

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<400> 17

gtagcacctc acatactctc ccagctccag agctaggccc ctcttgggga atcactgttg  
60

tacacttcct ttcttgaggg actgtgctga catgtctgac tgggctagag aaatgctcca  
120

ccacccttg tcccatagca tcccctcacc tgaggttgtc acaggtaaga aaaccagaag  
180

gcacgaatt aaatccagag gtgtaaaagt caggaggagt tgtgtgagag ctcacacctg  
240

taatctcagc aactggggc agagggactg ctttgagttt gaggccatct tgagtgttat  
300

acatggcaag ttctgggtca gcttgggtta gagcaagacc tttctaggc aaagcaagac  
360

attagtcaga agaaccagc ctccagagctg gacttcgggt tttatttggt tgtttgttg  
420

tttttatttt ttgagacagg gtttctctgt gtagccctgg ttgtcctggc actcactttg  
480

tagaccagac tggcctcgaa ctccagaaatc tgctgcctc tgcctcccga gtgctgggat  
540

taaaggtgtg cgccaccact gcttggctta gacttcaagt tttaaaagcc tagagttgta  
600

gttttgaaat aaagatctgc attgagaact tgtgaggctg aggcaggaag actgtgaggt  
660

cagcctggcc ttcacagtga gtttcaggctc agcctgagat agaggagcag tgtgaggcca  
720

gaaggacccc acaaagaaag acctccacag cgctgcttct aacgggtcca gcttcgagag  
780

gctttctcac agctgccaga gagaatgttg ttggcccctg gaggagatag agtgatagtg  
840

actctgtgtg tgtgtgtgta aatatatact gtatatatact tgagggtgca tgtgtgcaac  
900

atgcatatgt actgtgaaaa tgtgtgagag gcagtgtgtt cgtatgtgtg tctgtgagta  
960

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

taacccatgc gatatgtaatc t  
981

<210> 18  
<211> 35  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 5' DNA PCR primer

<400> 18  
ggcgcgccgt agcacctcac atactctccc agctc  
35

<210> 19  
<211> 34  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> 3' DNA PCR primer

<400> 19  
ggcgcgccag attacatagc catgggttat actc  
34

<210> 20  
<211> 4858  
<212> DNA  
<213> artificial

<220>  
<223> Fragment of the genomic BPntase sequence with engineered 5' and  
3' flanking restriction sites.

<400> 20  
tggcgagctt gcttattctg ctttcagagt atggggttgt ataaagcacg tggcgccaca  
60

ctgggggtttc ccgactctta gccatttaa agcagggttg aatctagagc gttatgaaag  
120

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

agtttctcaa ttagagaaga gaatattcca aataatttaa aagcaccttt gcaaacttga  
180

actgttggtg agctgggaat gcagttcagt ggtagtgcct gcttggtgtg tgtcaggggc  
240

gtgtgtgatc tctatcagca cacacacaca cacacacacg cacgcacgca cgcacacaca  
300

cacgcacgca cacacacacg cacacacgca cgcacacacg cgcgcacaca cacacacaca  
360

cacacacaca cacacacgct gttttaaaact atgattgttt attggtatac agtttcacac  
420

ggtagtacaa gctgatctca gattcatggc tgtccttcta tgtcctgata ttagagccgt  
480

gcagtgttat ccagcctcac ttctcagtct tttttgtttt ttgttttggt ttgttttggt  
540

ttgttttatt tttttgagac agggtttctc tgtgaagccc tggctgtcct ggaactcact  
600

ctgtagacca ggctggcctc gaactcagaa atccgcctgc ctctgcctcc cgagtgtctg  
660

gattaaaggc gtgcgccgcc acgccggcg tcactttctca gtcttagctg ctgttacttc  
720

tctgagaagc agcgagggcc ctactagtt gatccctggg ctcggtctg cgttatactg  
780

gggagtcgga agactggtta ccccgatttg tactgatacg gagatttgca ttcttggtta  
840

cagacctcgg ccaccgacct gcagaccaaa gccgaccgct tgggtgcagat gagcatatgc  
900

tcttccttgg ccggaagtt cccgaagctg accatcatag gggaagaggt gagaggcgcg  
960

cgccacttgg attcataccc tacctgccat tgagccgtag gttatggcca gtcttagcgt  
1020

tggcactaac gttccaacac aaagcgatcg ttttccttag gggaaaaatc tgacttaatg  
1080

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

atatttttggg ccacttaatg ggctaagtct ccattttctag tgatgggagc tatggtcacc  
1140

attgtaatac catacgatgg actcagtggc agaaagtcgc ctactgtatg tgaggctcta  
1200

agggtgggaga catctcagtc ataagaccat gtggctcaca tatgtgaggt cctggggttg  
1260

agcccctgca tcagcagtta tatgtgaaga gtcggcaagg ttctggaact ctgagatgac  
1320

tgggcttggt ttgcttgtct gcttgctcgt catttcagat tggacttggt tacttacaac  
1380

tgaacaata gactatgttt tagttttgtt ttttattaag ttagttcgtt gacaatttag  
1440

tgcatacatg taatacatte tgatttcctt catacttcgg attctcctcc cctccccttc  
1500

ttccttgccc gccccctctt cccacttagt ttattcagga tcatccatgt gaccatttca  
1560

ttgggaccat ccattgggtca tcagtgggtgc acagctgaaa gcaatggctt cccctttccc  
1620

tgaatcagtc tgtaggaaat agttctgcag tgaaggagag agagtgctgg tctgcatctc  
1680

tcctccacct ctgcttaact gttgggactc attctttctc agaccagca cagtcacctg  
1740

gttggtgaga gttcatgctt gcaactggctc gcaccccagt aatgacgttt ggcagccctt  
1800

ctccccgttt ttcagctctt accatctttc tgcccccttc ctacaaagcc tggtaaacct  
1860

tagaggggat aaatgtctaa atatcttatt cagagctgag caatcagctg taagtttgtc  
1920

ttattaggcc ttcatatatc tctcccttca ttatagtcct ctagaaagag aatcttctct  
1980

gactaaggct gagtggtaat tcgctatgtg aataaacatc tatatttagg aagctgtttg  
2040

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

acactgtgtg actttagtaa agctgtagag tttaactccc taagaggact catggcctcc  
2100

ctttttatac actgagtggg tctccagaca tggagtgtgt ttaacgtact aagcgtggat  
2160

tcccatgctg gagtagccct cacattcgat caagagcagg tagttacccc ccaacagtgc  
2220

cgacactgtt gttgtaccag tgagcacagc ttgcctgaca gatgggtgctg tagtttgtca  
2280

ggtgcacaga tgggcaatac tttcttcccc agcagcctgc agagaaaatg tgttcaggtc  
2340

tgacttcttt gtctcatgca accaaagtgt gtgggtgtcat tagcagtaag gtcttagcat  
2400

ctaattgctag tgggcaacca agaaaaatga caatgcctat attgtcttag ggcagtggga  
2460

cctccgtgac caacttatca ggaggcacca cacacacagc aggtgggggtt ttaatgaagg  
2520

ataatttcac aggggagcag tttctaggtc tctctcttcc aacttaaaaa aatgcctcct  
2580

agttattgtg agtaaattga aaatcaacag ataagttagt ttccaacagt gcgatgtcag  
2640

gcctctggac gtgtggaaga cagcagtatt ccatgtactg ggatagctgg ccatgtgccg  
2700

gaacagctgg gctacggatg ctgttcttag tgttgtaagg aattgccaca ccagtttcca  
2760

tatggctgca ctggtttccc accagcaatg aaggagtccc tcttttccac cctcaccagc  
2820

actgcctgtc ttgaggtttc ttacggattg ccattctgac aggacaagat gaaatcttag  
2880

agcagcttta atttgtactt ccttttgtgc taatgatgtc aaatactttt taaaatgttt  
2940

atttttcaat cctattactt ttgagaattc tctgttcagt tccatagccc atttttgctg  
3000



180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

ttgtttgttg acacaggggc tttctctatg tatccctggc tatgtagaac agagttacct  
3060

caaagctgac agagatccat ctacttttac ctcccagggtg ctgggattag aggcattgcag  
3120

atttttaaag ttattaatat ttatttgtgt acctgtgtct gatctgtgta tgtggatgga  
3180

tgttttgctt gcctggatag ctctgctcca catgtgagcc agttacctgc ggtggccaga  
3240

agagggcatc ggatgccctg gaactggagt taggatgggt gtgagctgcc tgtgggtgct  
3300

cgagaacaag cctgggtcct cgggagagca gcgttgttct tacctcctag cccactctcc  
3360

agctccgggg gttgattctt gttcaagaca gcagagaagg ctcgagcttc cctcttctcc  
3420

gtgtagacat ccagtcttcc cagcgccagt ttgagatgct cctctccct tcgtgtattt  
3480

ttgggtgtgt tttcaagaat caggtggctg taattgtatg gcattagtcc ggggtttcca  
3540

ttctgttgca ctgatctaca catcggtttt tgtgccagca ccgtgccctt tgttaccctg  
3600

attctgtagt gttatttttg ctcagaattt ttttggctgc ctgggccttt tgtgttttgc  
3660

atcactcatt ctaccgatcc atgagcaggg agacctttca tctactagtc tctgccttga  
3720

tttctttctt tagagttttt tgagacaggg tctcacatat aatcttggct gaccaggaac  
3780

tcagtgtgta gaccaggctg gcctcaaact cacagagttc tgctgcctc tgccccctga  
3840

gtgctggggg ttaaggctta tgccactggg cctgggattt tctctgattt taaagttttc  
3900

attgtagagg ttcttcactt ctttgcttgg gtttcctctg aggtactttg tttattaagg  
3960

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

ctgctataaa tgggattggt tttctgattt cttcttcacc ttgtttgcc ttggtataaa  
4020

aaagcatgcc atgtgtgtat cctgacactg cagaagtgtt agtaattcta ggagctttct  
4080

ggtggagact gtagggctct ccatgtacag cattatatct tctgtagaca ggaacacgct  
4140

gtcttcttta tttcctacct atattccttt cccatcttgt ttttattggt ttagctaaga  
4200

ctaaaacacc aaatcgatgg cctgtctcg cttctagttt taatgttgat gtttgtttgg  
4260

cagggctctg ttacttagcc caggctggcc ttgaattctt cctgcttcat ccaaccagct  
4320

gctgggatta ccagtacaca ggactctata aaaagggttt tgtttttgtt attgttttta  
4380

tttctctctt ctctgcactc acattgcccc tctgggtgctg gagatcatgc cagagtctcg  
4440

tgtgtgctgg gcaattactg accactgagc tggatcccag gtcccttgtg taactcaatg  
4500

ccaagttcat tcccactgtc tcagcctccc agcattccaa aggaaattgg ggaaacagaa  
4560

atatgtaaag gaaactggat gtatttacia ttttaggtta acagatatga ggaaaagggt  
4620

ttgggttctt tctagacgtt cctgagtcag ggtttacatg tggctaggac ccagccgtga  
4680

ggctttctgt gaggatgctg ttctctgtgc tcatacttca aactaggatg gaagctcctg  
4740

ggccaatcct agctgctcac ttctctctt tcggctcctg ccagtcttat gctagggttg  
4800

ctataaaagc tctaaatatt agagaaatta aacagaagtg gctaggcgtc ccattgct  
4858

<210> 21

<211> 35

180-158-2 seq listing rev2.ST25.txt

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> PCR DNA primer

<400> 21

gcggccgctg gcgagcttgc ttattctgct ttcag

35

<210> 22

<211> 32

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> PCR DNA primer

<400> 22

aagcttagca atgggacgcc tagccacttc tg

32

<210> 23

<211> 24

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> oligonucleotide for PCR screen

<400> 23

tccagccttg ggacaagaga tcag

24

<210> 24

<211> 24

<212> DNA

<213> artificial

<220>

<223> DNA oligonucleotide for PCR screen

<400> 24

accaaagaac ggagccggtt ggcg

24

180-158-2 seq listing rev2:ST25.txt